

Figure 1

Match 70.5%; Q=ymatch 68.4%; Matches 572; Conservative 105; Mismatches 121;  
Indels 11; Gaps 6;

```

ZPEP_m      1 MDQREILQQLLKAQKKCNSEEFASEFLKKGQSTKYKADKYPTTVAQRPNIDQGRY 60
SuPTP04_h   1 MDQREILQQLLKAQKKCNSEEFASEFLKKGQSTKYKADKYPTTVAQRPNIDQGRY 60

ZPEP_m      61 KDILPYRSLVELSLITSCDESSVINASPIKAYGPKAVIATQGPLSTTLDFRRHMEY 120
SuPTP04_h   61 KDILPYRSLVELSLITSCDESSVINASPIKAYGPKAVIATQGPLSTTLDFRRHMEY 120

ZPEP_m      121 RILIVWAGQCEPEMKKKCKERYNAEPQETQLQPGFFSISCEAEKKKSDYKINTLKAKPN 180
SuPTP04_h   121 SVLITWAGQCEPEMKKKCKERYNAEPQEGHLEFGFFSVSCAEKKKSDYKINTLKAKPN 180

ZPEP_m      181 ETRIYQPHYRWPHDIVPSSIDPILQLIWMRCYQEDDCVPICIHCSAGCORTGVICAV 240
SuPTP04_h   181 ETRIYQPHYRWPHDIVPSSIDPILQLIWMRCYQEDDCVPICIHCSAGCORTGVICAV 240

ZPEP_m      241 DYTMLLKDGIIPIQFVFNLIQEMRTQRPSELVQTEQELVYSAVLELFKRMVDVSEN 300
SuPTP04_h   241 DYTMLLKDGIIPIQFVFNLIQEMRTQRPSELVQTEQELVYSAVLELFKRMVDVSEN 300

ZPEP_m      301 HLGREIQACQSIPEQSLTVEADSCPLPLKPNAMRDVKTITNGSKQGAESGGSSGLR 360
SuPTP04_h   301 HSGTESQAGHCIPENHTLQADSYSPNLKSTTKAKMNAQQR---TGMLEIKESSFPR 357

ZPEP_m      361 TSTNAEEELVLHSAKSSSPFNCLNCGCNKNAVITRNGQARASPVUGELPKYQSLDF 420
SuPTP04_h   358 TSEISAKEELVLHPAKSSTSFDFLELNVSPDNADTTMKQTKAPPIVUGELPKQHSDDL 417

ZPEP_m      421 GMLFGSCPSALPINTADRYHNSKGPVKTKSTPPELQQRKTNDLAVGDOFSCLESGLH 480
SuPTP04_h   418 GSLLEPGCSNKPNAAGRYFNSKVPITRKSTPPELQQRKTEVDSKENSFVLESQPH 477

ZPEP_m      481 EHYSLRELQVQRVAHVSSSEELNYSLPAGAC-----DASCVPRHSPGALRVHVTSLAZEPY 535
SuPTP04_h   478 DSCVF-EDQAGKVMHVSSEELNYSLPYDSKHQIRNASNVGHSLSALGVSYIPLVENFY 536

ZPEP_m      536 FSSSPYNSADSKGFDLPEKQDGATSPGALLPASSTISFFYSNPHDSLVAHNTLSTSPPL 595
SuPTP04_h   537 FSSWPSGTSKSGKLDLPEKQDQTVFSSLLPTSTSTLSFYNGHSDLSLNSPTNISLL 596

ZPEP_m      596 NQETAVEAPSRRITDDEIPPLPERTPESFVVEZAGEPSFRVTESLP-LVVITGASPEC 653
SuPTP04_h   597 NQESAVLMTAFRIDDEIPPLPVRTPEFVVEZAGEPSFNNPKSLSSAVKVIOTSLW 656

ZPEP_m      654 GGTSE-MKSHDSVGFTPSKAVKLSKPKSDRHQD-GSPPPPLPERTLESFFLADEDCICQ 711
SuPTP04_h   657 GGTSEPKCFDDSVILRPSKVKLRSPKSELHQDRSSPPPPPLPERTLESFFLADEDCQ 716

ZPEP_m      712 AVQTSSTSYPTTENTSTSSKQTLRTPGKSPTRSKSLKIPRNKKSVNCSNPSKPTERVQ 771
SuPTP04_h   717 SIETYSYPTDMENSTSSKQTLRTPGKSPTRSKSLKILRNKKSGICNCSPPNKPZSVQ 776

ZPEP_m      772 PKNSSSFLNFGFGNRFKPKGPRNPSPAMNM 802
SuPTP04_h   777 SNKSSSFLNFGFGNRFKPKGPRNPPTWNT 807

```